

食源性疾病

绍兴市5起食源性副溶血性弧菌暴发事件的病原学特征和耐药性分析

陈金堃, 张琴超, 何琴芬, 陈吉铭, 蒋卓婧, 周梁康, 唐诗洁
(绍兴市疾病预防控制中心, 浙江 绍兴 312071)

摘要:目的 了解2022—2023年绍兴市食源性副溶血性弧菌暴发事件的病原学特征、分子分型及耐药特征。方法 收集2022—2023年绍兴市5起食源性暴发事件的副溶血性弧菌, 采用玻片凝集法、脉冲场凝胶电泳(PFGE)、微量肉汤稀释法、多重荧光定量PCR法和全基因组测序对菌株进行血清分型、分子分型、药敏检测、毒力基因和生物信息学分析。结果 分离到36株副溶血性弧菌(1株分离自当日晚餐剩余食材, 2株分别分离自厨房抹布、砧板的涂抹样本, 33株分离自33名病例的肛拭子标本), 共含10种血清型, 以O10:K4为主; 共有11种PFGE带型, 以S2型为主; 对头孢唑啉抗生素(36/36)普遍耐药, 对氨苄西林(9/36)、链霉素(2/36)部分耐药。所有菌株*tlh*基因均为阳性, *trh*基因均为阴性, 其中31株临床分离株和1株环境分离株携带*tdh*基因。通过序列分析, 得到4种已知ST型和2种新ST型, 23个核心基因组多位点序列分型(cgMLST)进化枝; 预测出34株菌株携带耐药基因, 主要携带 $bla_{CARB-22}$ 耐药基因。结论 2022—2023年绍兴5起食源性副溶血性弧菌暴发事件以O10:K4为主, 对头孢唑啉普遍耐药; 存在不同暴发事件的菌株同源, 可能由共同污染源导致, 应加强本地副溶血性弧菌的溯源工作和流行病学调查。

关键词: 食源性疾病; 暴发; 副溶血性弧菌; 全基因组测序

中图分类号: R155 文献标识码: A 文章编号: 1004-8456(2025)07-0674-07

DOI: 10.13590/j.cjfh.2025.07.012

Etiological characteristics and antimicrobial resistance of *Vibrio parahaemolyticus* strains causing five foodborne disease outbreaks in Shaoxing City

CHEN Jinkun, ZHANG Qinchao, HE Qinfen, CHEN Jiming, JIANG Zhuojing,
ZHOU Liangkang, TANG Shijie

(Shaoxing Center for Disease Control and Prevention, Zhejiang Shaoxing 312071, China)

Abstract: Objective To characterize the etiological characteristics, molecular epidemiology and antimicrobial resistance of *Vibrio parahaemolyticus* from outbreaks cases in Shaoxing City from 2022 to 2023. **Methods** The *Vibrio parahaemolyticus* strains were isolated from five outbreak events from 2022 to 2023. Serotyping, molecular typing, drug resistance testing, virulence gene detection and bioinformatics analysis were performed by slide agglutination, pulsed field gel electrophoresis (PFGE), broth microdilution, multiple fluorescent PCR and whole genome sequencing methods. **Results** The 36 strains of *Vibrio parahaemolyticus* were isolated from 1 leftover dinner ingredient, 2 kitchen swabs (cloth and cutting board) and 33 clinical anal swabs associated with outbreak. These isolates comprised ten different serotypes, with O10:K4 being the predominant one. All strains were divided into 11 band types, and the main PFGE type was S2. Among these strains, higher rates of resistance to cefazolin (36/36), Ampicillin (9/36), streptomycin (2/36) were found. All strains were positive for *tlh* and negative for *trh*. The 31 clinical isolates and 1 environmental isolate carried *tdh* gene. 4 known ST types, 2 new ST types and 23 core genome MLST (cgMLST) types were identified by sequence analysis. Thirty-four strains carried the resistant gene, mainly $bla_{CARB-22}$. **Conclusion** Five foodborne disease outbreaks caused by *Vibrio parahaemolyticus* were occurred in Shaoxing from 2022 to 2023. O10:K4 was the predominant serotypes of outbreaks. The isolates were all resistant to cefazolin. There is a high homogeneity between the strains of different outbreaks, indicating persistent sources of contamination ignored by traditional methods. It is necessary to strengthen the tracing and epidemiological investigation of *Vibrio parahaemolyticus* in this region.

Key words: Food-borne disease; outbreaks; *Vibrio parahaemolyticus*; whole genome sequencing

副溶血性弧菌(*Vibrio parahaemolyticus*)是一种革兰氏阴性嗜盐弧菌,广泛存活于河口和海岸海水环境中^[1];副溶血性弧菌是一种常见的食源性致病菌,在亚洲、欧洲、非洲等多地流行,引起大规模食源性疾病暴发^[2-5]。在绍兴市食源性疾病暴发监测中,副溶血性弧菌引起的暴发事件占微生物因素的64.71%(33/51),位居首位^[2]。抗生素常用于水产养殖,防治弧菌引起的感染,也常用于临床治疗;长期的误用和滥用抗生素将导致微生物耐药,进而影响人类健康^[6]。本文对2022—2023年食源性疾病暴发事件中涉及的副溶血性弧菌进行分子分型、药敏等研究,了解本地副溶血性弧菌暴发分离株的分子特征,为减少此类暴发事件的发生提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 菌株来源

36株副溶血性弧菌分离自2022—2023年绍兴市各县区发生的5起食源性疾病暴发事件,其中1株分离自相关食品,2株分离自相关环境,33株分离自相关临床肛拭子标本。PFGE Marker标准菌株沙门菌H9812和药敏试验质控菌株大肠埃希菌ATCC 25922为本实验室保存。

1.2 菌株鉴定及血清分型

菌株鉴定按照GB 4789.7—2013《食品安全国家标准 食品微生物学检验 副溶血性弧菌检验》^[7]进行,生化鉴定使用VITEK-2全自动细菌生化鉴定系统(bioMérieux,法国)进行,血清学分型使用副溶血性弧菌诊断血清试剂盒(生研,日本)进行。

1.3 毒力基因鉴定

副溶血性弧菌基因组DNA提取采用水煮法,耐热直接溶血素基因(*tdh*)、耐热相关溶血素基因(*trh*)和不耐热溶血素基因(*tlh*)3种毒力基因检测按照副溶血性弧菌三重实时荧光定量PCR试剂盒说明书(生科源,深圳)进行。

1.4 药敏试验

采用微量肉汤稀释法对36株副溶血性弧菌进行药敏试验,使用Vizion微生物药敏分析仪(Thermo公司,美国)分析副溶血性弧菌对氯霉素(Chloramphenicol, CHL)、复方新诺明(Trimethoprim-sulfamethoxazole, SXT)、美罗培南(Meropenem, MEM)、头孢噻肟(Cefotaxime, CTX)、头孢他啶(Ceftazidime, CAZ)、四环素(Tetracycline, TET)、环丙沙星(Ciprofloxacin, CIP)、氨苄西林(Ampicillin, AMP)、氨苄西林/舒巴坦(Ampicillin/Sulbactam, AMS)、头孢西丁(Cefoxitin, CFX)、头孢唑啉(Cefazolin, CFZ)、亚

胺培南(Imipenem, IMP)等20种抗生素的敏感程度。根据《2023年国家食源性疾病监测工作手册》中食源性致病菌药敏试验的结果解读进行药敏结果判定^[8]。

1.5 脉冲场凝胶电泳

参照《2023年国家食源性疾病监测工作手册》中副溶血性弧菌脉冲场凝胶电泳(Pulsed field gel electrophoresis, PFGE)标准操作程序进行分子分型^[8];使用BioNumerics V7.6软件UPGMA方法进行聚类分析,条带位置差异容许度1%,优化值1%。

1.6 全基因组测序及生物信息学分析

提取36株菌株的DNA送上海伯杰医疗科技股份有限公司进行Illumina NovaSeq测序。对获得的原始数据进行质量评估,符合要求的基因组进行生物信息学分析。使用PATRIC在线拼接软件进行全基因组组装^[9]。依据PubMLST的副溶血性弧菌管家基因库(*tnaA*、*gyrB*、*recA*、*pntA*、*dtdS*、*dnaE*、*pyrC*)确定ST型并申请新ST型^[10]。使用BioNumerics V7.6软件进行核心基因组多位点序列分型(core genome MLST, cgMLST)分析及系统进化树构建(cgMLST实际差异位点数=节点显示数×1)。依据ResFinder4.5抗性基因数据库^[11-12],对副溶血性弧菌的获得性耐药基因进行预测。

2 结果

2.1 菌株来源情况

2022—2023年,绍兴市各区县共监测到5起由副溶血性弧菌引起的食源性疾病暴发事件,并成功分离出36株副溶血性弧菌。其中,1株分离自当日晚餐剩余食材芦笋虾仁,2株分别分离自厨房抹布、砧板的涂抹样本,33株分离自33名病例的肛拭子标本。从时间分布来看,36株副溶血性弧菌分离自2022、2023两个年份。2022年共分离出19株,柯桥区分离出14株,包含2起暴发事件,分别为事件1(菌株编号SX202201-05)和事件2(菌株编号SX202211-19);越城区1起(事件3,菌株编号SX202206-10),分离出5株。2023年共分离出17株。柯桥区1起(事件4,菌株编号SX202301-05),分离出5株;上虞区1起(事件5,菌株编号SX202306-17),分离出12株。

2.2 血清鉴定和毒力基因

36株副溶血性弧菌共有10种血清型,分别为O1:Kut、O10:K4、O1:K10、O2:K3、O3:K6、O4:Kut、O5:K17、O8:K10、O8:K22、Out:Kut,其中O10:K4为主要血清型(16/36);1株食品分离株血清型为O2:K3,2株环境分离株血清型分别为O8:K22和

O10:K4,33株临床分离株包含8种血清型,主要为O10:K4(15/33)、O1:K10(7/33)。36株副溶血性弧菌均携带*tlh*基因且不携带*trh*基因,其中32株副溶血性弧菌携带的毒力基因型为*tlh+tdh+trh-*,含31株临床分离株和1株环境分离株;4株副溶血性弧菌携带的毒力基因型为*tlh+tdh-trh-*,含1株食品分离株、1株环境分离株和2株临床分离株,见表1。

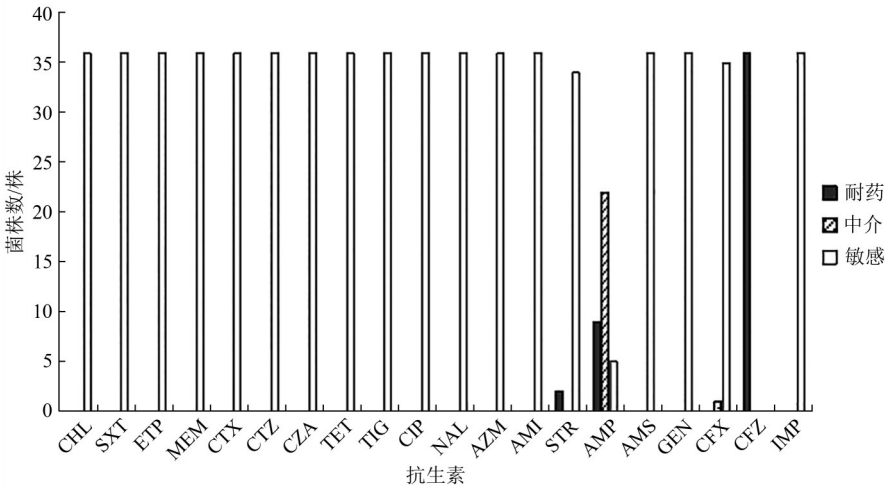
表1 36株副溶血性弧菌的血清型和毒力基因分布
Table 1 Serotype and virulence genes of the 36 *Vibrio parahaemolyticus* strains

样本来源/株	血清型/株	毒力基因/株
食品(1)	O2:K3(1)	<i>tlh+tdh-trh-</i> (1)
环境(2)	O8:K22(1), O10:K4(1)	<i>tlh+tdh-trh-</i> (1), <i>tlh+tdh+trh-</i> (1)
患者(33)	O10:K4(15), O1:K10(7), O3:K6(4), O4:Kut(3), O5:K17(1), O1:Kut(1), Out:Kut(1), O8:K10(1)	<i>tlh+tdh-trh-</i> (2), <i>tlh+tdh+trh-</i> (31)

2.3 药敏试验结果

36株副溶血性弧菌均对头孢唑啉耐药,9株副溶血性弧菌耐氨苄西林,2株副溶血性弧菌耐链霉素;22株副溶血性弧菌对氨苄西林中介;36株副溶

血性弧菌对氯霉素等其他16种抗生素均敏感(图1)。共有3种耐药表型,主要耐药谱为CFZ(表2)。1株食品分离株和2株环境分离株耐药谱分别为CFZ-AMP-STR、CFZ、CFZ-AMP(图3)。



注:CHL-氯霉素、SXT-复方新诺明、ETP-厄他培南、MEM-美罗培南、CTX-头孢噻肟、CTZ-头孢他啶、CZA-头孢他啶/阿维巴坦、TET-四环素、TIG-替加环素、CIP-环丙沙星、NAL-萘啶酸、AZM-阿奇霉素、AMI-阿米卡星、STR-链霉素、AMP-氨苄西林、AMS-氨苄西林/舒巴坦、GEN-庆大霉素、CFX-头孢西丁、CFZ-头孢唑啉、IMP-亚胺培南

图1 36株副溶血性弧菌药敏检测结果

Figure 1 Drug resistance testing of the 36 *Vibrio parahaemolyticus* strains

表2 36株副溶血性弧菌抗生素耐药谱

Table 2 Multidrug resistance spectrum of the 36 *Vibrio parahaemolyticus* strains

耐药谱	菌株数/%	耐抗生素种类
CFZ	27(75.0)	1
CFZ-AMP	7(19.4)	1
CFZ-AMP-STR	2(5.6)	2

2.4 PFGE分子分型

PFGE 指纹图谱分析,发现36株副溶血性弧菌经*Not* I酶切后,得到11种谱型,条带相似度为44.1%~100%,分别命名为S1-S11型。其中S1型含3株,为事件1的3株临床株;S2型含12株,为事件5的11株临床株和事件1的1株临床株;S5型含4株,为事件4的4株临床株;S7型含10株,为事件3的3株临床株和事件2的7株临床株;剩余带型各1株。食品分离株和环境分离株的PFGE带型分别为S11、S6和S3(图2)。

2.5 基因组分型特点

MLST分型结果显示,36株副溶血性弧菌有6种ST型,包括4种已知ST型和2种新ST型,其中ST3型有20株,ST2516型有12株,其余型别各1株;食品分离株和环境分离株分别为S1774型和S2757型和S3型。根据cgMLST结果显示,可将36株副溶血性弧菌分为23个进化枝,最大一个进化枝含12株,为1株环境分离株和11株临床株,均分离于事件5;其次为含3株临床株的进化枝,与菌株SX202304相差8个等位(核心)基因位点,均分离自事件4。其余进化枝之间等位(核心)基因差异位点数>10。

36株副溶血性弧菌中有34株菌携带耐药基因,其中20株携带*bla*_{CARB-22}耐药基因,10株携带*bla*_{CARB-20}耐药基因,其中食品分离株携带两株耐药基因,为*bla*_{CARB-29}和*bla*_{CARB-33},两株环境分离株分别携带*bla*_{CARB-45}、*bla*_{CARB-22}(图3)。

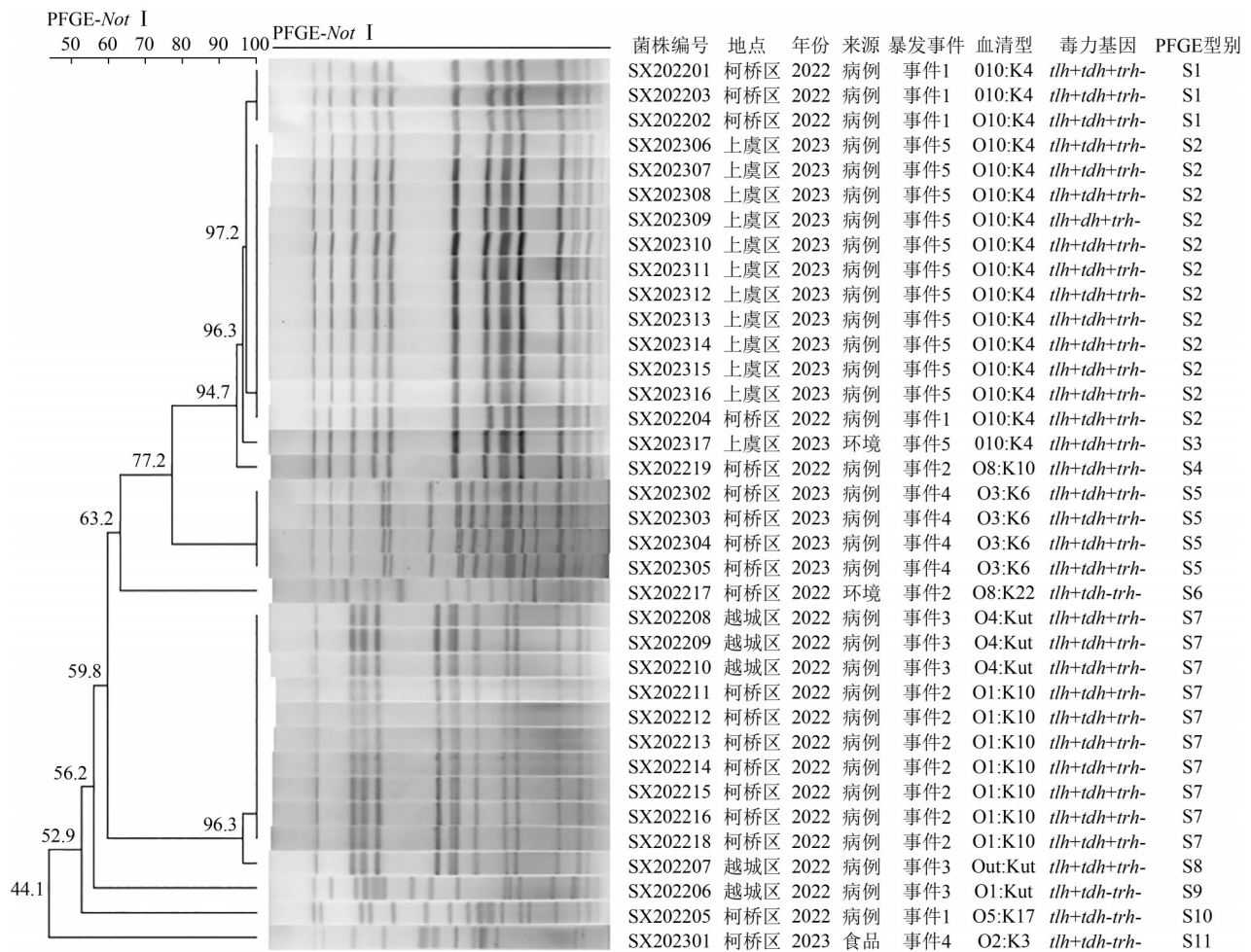


图2 36株副溶血性弧菌 PFGE 聚类分析图
Figure 2 PFGE cluster analysis of the 36 *Vibrio parahaemolyticus* strains

3 讨论

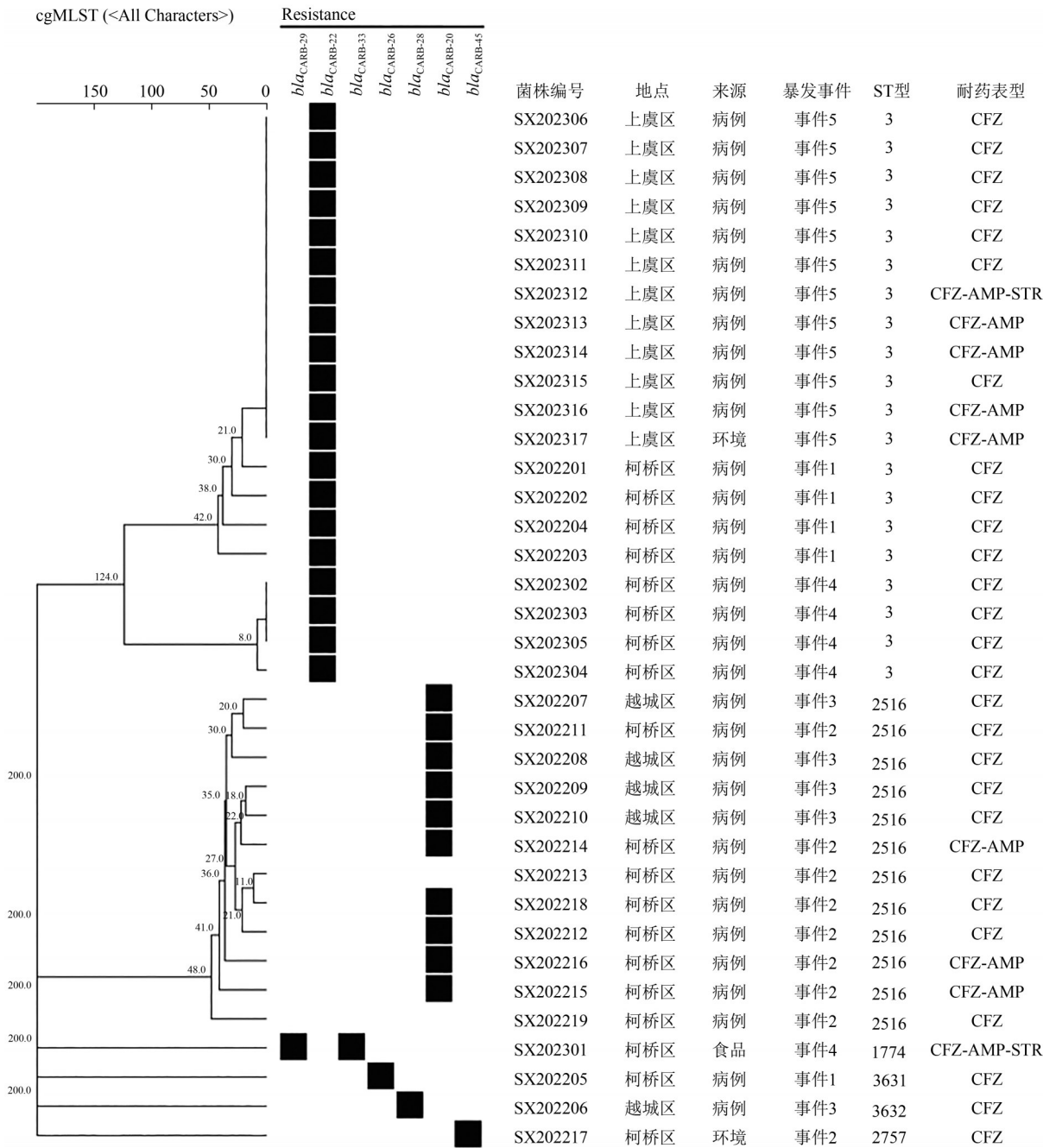
2022—2023 年绍兴监测到 5 起食源性副溶血性弧菌暴发事件,共分离到 33 株临床株和 3 株非临床株。暴露场所为农村宴席和单位食堂,生食或误食受副溶血性弧菌污染的未恰当烹饪的食品,导致食物中毒,平均感染潜伏期为 24 h^[13],但部分现场食品未按要求进行留样,未能采全所有可疑食品,导致未能溯源到主要的食品污染源。

与副溶血性弧菌的毒力因子有关的有不耐热溶血素(Thermolabile hemolysin, TLH)、耐热直接相关溶血素(Thermotolerant related hemolysin, TRH)、耐热直接溶血素(Thermotolerant direct hemolysin, TDH)^[13-14]。本研究中,所有菌株均携带 *tlh* 基因,TLH 无致病性,普遍存在于副溶血性弧菌^[15];31 株临床株和 1 株环境株均携带 *tdh* 基因,TDH 和 TRH 为副溶血性弧菌关键毒力因子,携带 *tdh* 基因的菌株为致病性菌株;有 2 株临床株为 *tdh* 和 *trh* 基因阴性,但仍能引起腹泻等临床症状,可能存在由其他毒力因子或新的致病机制导致^[16]。

药敏结果显示,36 株副溶血性弧菌均对头孢唑

啉耐药,9 株耐氨苄西林,2 株耐链霉素,这与本地副溶血性弧菌耐药情况一致^[17-18]。结合耐药基因预测结果显示,34 株均携带 *bla*_{CARB} 基因,含 7 种 *bla*_{CARB} 基因变体,主要为 *bla*_{CARB-22},其次为 *bla*_{CARB-20}。 *bla*_{CARB} 基因均编码产生 β-内酰胺酶,该酶属于 Bush-Jacoby-Medeiros 分组的第 2 组和 Ambler 分子分类的 A 类,能高效水解羧苄青霉素和部分早期头孢菌素,但活性可被克拉维酸等抑制剂抑制^[19]。因此,除 2 株不携带任何耐药基因的菌株外,β-内酰胺类耐药基因的耐药表型和耐药基因保持一致。本研究未预测出链霉素相关耐药基因,以及存在 2 株不携带任何耐药基因的菌株,推测可能存在未被抗性基因数据库收录的耐药基因。总之,在本地临床治疗副溶血性弧菌感染引起的腹泻时,应尽量减少 β-内酰胺类药物中的头孢唑啉的使用;此外,我们将继续监测本地副溶血性弧菌耐药情况及耐药基因变化,持续研究耐药表型与耐药基因之间的关系,预防和减缓耐药性副溶血性弧菌的产生。

利用 PFGE 技术对 5 起食源性副溶血性弧菌暴发事件的菌株分别进行分型,经 *Not* I 酶切后,发现



注:黑色方块为阳性,白色方块为阴性

图3 cgMLST系统发育树与耐药基因分布

Figure 3 Phylogenetic tree of cgMLST and distribution of drug resistance genes

2023 年事件 5 的 11 株临床株(SX202306-16)属于 S2 型,与带型为 S3 型的 1 株环境分离株(SX202317)相似度>95%,提示为同一克隆系的副溶血性弧菌^[20];同时结合基因组水平上分型结果显示,这些菌株同属于 MLST 的 ST3 型和同一个 cgMLST 进化枝,进一步确认这起暴发事件可能由厨房砧板表面存在的副溶血性弧菌通过交叉污染途径引起。2023 年事件 4 的 4 株临床株(SX202302-05)均为 S5 型和 ST3 型,分属 2 个 cgMLST 进化枝且两者等位(核心)基因差异数<10,提示 4 株临床菌株具有高度同源性^[21];与本事件分离的食品分离株(SX202301)

PFGE 带型相似度<85%,MLST 型不同,进化枝之间等位(核心)基因差异数>30,提示该食品分离株不是直接导致暴发事件发生的污染源^[21]。5 起食源性暴发事件的菌株进行聚类发现,事件 3 的 3 株临床株(SX202208-10)和事件 2 的 7 株临床株(SX202211-16, 18),PFGE 带型均为 S7 型,MLST 结果均为 ST2516 型,而 cgMLST 将菌株分为 10 个进化枝,表明 cgMLST 具有更高的分辨率,可以更精确地判定菌株间的亲缘关系。值得注意的是,事件 1 的 2 株临床株(SX202201-02)与事件 5 的菌株(SX202306-17)之间等位(核心)基因差异数≤30,且 PFGE 带型相

似度>95%和MLST结果均为ST3型,提示这14株菌株可能具有同源性^[21],可能由同一克隆系的副溶血性弧菌进化而来。在事件2和事件3中也存在部分菌株之间等位(核心)基因差异数≤30,提示这两起暴发事件可能存在同一污染源。

本研究中的暴发事件,未能采全相关食品样,导致没能追溯到共同的暴露来源,提示本地应强调各单位食堂、农村宴席等重要场所食品的留样,建立健全原材料采购记录、食品留样等制度;应加大食品规范加工、储存等宣传和监督,定期对相关食品从业人员进行食品安全培训;应开展对居民关于预防细菌性食物中毒的安全健康教育工作,尤其在食物中毒高发期。另一方面,相关机构应持续监测副溶血性弧菌感染等食源性疾病监测工作,加强主动识别食源性疾病暴发能力,增强溯源分析和流行病学调查能力,减少此类食源性疾病暴发事件的发生。

参考文献

- [1] LETCHUMANAN V, YIN W F, LEE L H, et al. Prevalence and antimicrobial susceptibility of *Vibrio parahaemolyticus* isolated from retail shrimps in Malaysia[J]. *Frontiers in microbiology*, 2015, 6(33): 1-11.
- [2] YANG Y, XIE J F, LI H, et al. Prevalence, Antibiotic Susceptibility and Diversity of *Vibrio parahaemolyticus* isolates in Seafood from South China[J]. *Front Microbiol*, 2017, 8: 2566.
- [3] PASSALACQUA P L, ZAVATTA E, BIGNAMI G, et al. Occurrence of *Vibrio parahaemolyticus*, *Vibrio cholerae* and *Vibrio vulnificus* in the clam *Ruditapes philippinarum* (Adams & Reeve, 1850) from Emilia Romagna and Sardinia, Italy[J]. *Italian Journal of Food Safety*, 2016, 5(5709): 41-46.
- [4] HAN C, TANG H, REN C, et al. Sero-prevalence and genetic diversity of pandemic *V. parahaemolyticus* strains occurring at a global scale[J]. *Frontiers in microbiology*, 2016, 7: 567.
- [5] 邢超,王琦梅,任蒋磊,等.2012—2022年绍兴市食源性疾病暴发事件流行特征分析[J]. *预防医学*, 2023, 35(6): 506-508.
- [6] XING C, WANG Q M, REN J L, et al. Epidemiological characteristics of foodborne disease outbreaks in Shaoxing City from 2012 to 2022[J]. *Preventive medicine*, 2023, 35(6): 506-508.
- [7] ELMAHDI S, DASILVA L V, PARVEEN S. Antibiotic Resistance of *Vibrio parahaemolyticus* and *Vibrio vulnificus* in Various Countries: A Review[J]. 2016, 57: 128-34.
- [8] 中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会. 食品安全国家标准 食品微生物学检验 副溶血性弧菌检验: GB 4789.7—2013[S]. 北京: 中国标准出版社, 2013.
- [9] National Health and Family Planning Commission of THE P.R. C.. National standard for food safety: food microbiological inspection *Vibrio parahaemolyticus* detection: GB 4789.7—2013 [S]. Beijing: China Standards Press, 2013.
- [10] 国家食品安全风险评估中心. 2023年国家食源性疾病监测工作手册[Z]. 2023.
- [11] China National Center for Food Safety Risk Assessment. 2023 work manual of national foodborne illness surveillance[Z]. 2023.
- [12] WATTAM A R, DAVIS J J, ASSAF R, et al. Improvements to PATRIC, the all-bacterial Bioinformatics Database and Analysis Resource Center[J]. *Nucleic Acids Res*, 2017; 45: D535-D542.
- [13] JOLLEY K A, BRAY J E, MAIDEN M C J. Open-access bacterial population genomics: BIGSdb software, the PubMLST.org website and their applications[J]. *Wellcome Open Research*, 2018, 3: 124.
- [14] BORTOLAIA V, KAAS R S, RUPPE E, et al. ResFinder 4.0 for predictions of phenotypes from genotypes [J]. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 2020, 75(12): 3491-3500.
- [15] CAMACHO C, COULOURIS G, AVAGYAN V, et al. BLAST+: architecture and applications[J]. *BMC Bioinformatics*, 2019, 10(1): 421.
- [16] 刘晶星. 医学微生物学[M]. 北京: 人民卫生出版社, 2013: 127-128.
- [17] LIU J X. Medical microbiology[M]. Beijing: People's Medical Publishing House, 2013: 127-128.
- [18] 王秀茹. 预防医学微生物学及检验技术[M]. 北京: 人民卫生出版社, 2002: 749-754.
- [19] WANG X R. Preventive medicine microbiology and laboratory techniques[M]. Beijing: People's Medical Publishing House, 2022: 749-754.
- [20] 韩海红, 李宁, 郭云昌. 副溶血性弧菌分子标志基因研究概况[J]. *微生物学报*, 2015, 55(1): 12-21.
- [21] HAN H H, LI N, GUO Y C. Research on molecular marker genes of *Vibrio parahaemolyticus*[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2015, 55(1): 12-21.
- [22] 谢丽, 杨超, 江敏, 等. 2013—2021年深圳市急性腹泻人群副溶血性弧菌基因组流行病学特征分析[J]. *中华预防医学杂志*, 2023, 57(3): 386-392.
- [23] XIE L, YANG C, JIANG M, et al. Genomic epidemiology of *Vibrio parahaemolyticus* from acute diarrheal patients in Shenzhen City from 2013 to 2021[J]. *Chinese Journal of Preventive Medicine*, 2023, 57(3): 386-392.
- [24] 陈吉铭, 何琴芬, 张琴超, 等. 绍兴市生食鱼中副溶血性弧菌毒力基因及耐药性与分子分型研究[J]. *食品安全质量检测学报*, 2021, 12(16): 6680-6684.
- [25] CHEN J M, HE Q F, ZHANG Q C, et al. Study on virulence gene, drug resistance, molecular typing of *Vibrio parahaemolyticus* in raw fish in Shaoxing[J]. *Journal of Food Safety and Quality*, 2021, 12(16): 6680-6684.
- [26] 何琴芬, 陈金堃, 张琴超, 等. 2020年绍兴市水产品污染与临床病例中副溶血性弧菌相关性分析[J]. *中国食品卫生杂志*, 2023, 35(6): 820-827.
- [27] HE Q F, CHEN J K, ZHANG Q C, et al. Correlation analysis of *Vibrio parahaemolyticus* from contaminated aquatic products and clinical cases in Shaoxing in 2022. *Chinese Journal of Food Hygiene*, 2023, 35(6): 820-827.
- [28] FONSECA E L, VIEIRA V V, CIPRIANO R, et al. Emergence of *dhfrXVb* and *blaCARB-4* gene cassettes in class 1 integrons from clinical *Pseudomonas aeruginosa* isolated in Amazon region [J]. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, 2006, 101: 81-84.

- [20] TENOVER F C, ARBEIT R D, GOERING R V, et al. Interpreting chromosomal DNA restriction patterns produced by pulsed-field gel electrophoresis: Criteria for bacterial strain typing[J]. Journal of Clinical Microbiology, 1995, 33(9): 2233-2239.
- [21] 朱丽萍, 张文成, 颜世敢, 等. 细菌核心基因组多位点序列分型 (cgMLST)与溯源评价[J]. 畜牧与兽医, 2021, 53(6): 140-146.
- ZHU L P, ZHANG W C, YAN S G, et al. Evaluation of core genome multilocus sequence typing and traceability of bacteria [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2021, 53(6): 140-146.

《中国食品卫生杂志》投稿须知

《中国食品卫生杂志》是中华预防医学会、中国卫生信息与健康医疗大数据学会共同主办的国家级食品卫生学术期刊,为中文核心期刊、中国科技核心期刊。《中国食品卫生杂志》的办刊方针是普及与提高并重。设专家述评、论著、研究报告、实验技术与方法、监督管理、调查研究、风险监测、风险评估、食品安全标准、食物中毒、综述等栏目。《中国食品卫生杂志》既报道食品安全领域的重大科研成果,也交流产生、发现于实际工作的研究结论;既涉足实验室,又深入监督管理现场;全方位报道国内外食品安全的政策、理论、实践、动态。

1 投稿的基本要求

文稿应具有创新性、科学性、实用性,文字精练,数据准确,逻辑性强。文章一般不超过5000字,如遇特殊情况请与编辑部联系。投稿时邮寄单位推荐信,介绍该文的作者、单位,文章的真实性,是否一稿两投,是否属于机密,是否受各类基金资助。如为基金资助项目,应附带资助的合同文本封面和课题参加者名单页复印件或获奖证书复印件。

2 文稿中应注意的问题

投稿前最好先阅读本刊,以便对本刊有基本的了解。尤其要注意以下问题。

- 2.1 作者和单位的中英文名称、所在地、邮编分别列于中英文题目之下,单位的英文名称应是系统内认可的、符合规范的。
- 2.2 个人署名作者在2人(含2人)以上以及集体作者,应指定一位通信作者(corresponding author)。第一作者及通信作者应有简短的中文自传:姓名、性别、学位、职称、主攻研究方向,放在文稿第一页的左下方。副高职称以上的作者应有亲笔签名。
- 2.3 受资助的情况(资助单位、项目名称、合同号)用中英文分别列于文稿左下方。
- 2.4 所有稿件都应有中英文摘要。一般科技论文的摘要包括:目的、方法、结果、结论。作者应能使读者通过阅读摘要就能掌握该文的主要内容或数据。为便于国际读者检索并了解文章的基本信息,英文摘要应比中文摘要更详细。
- 2.5 每篇文章应标注中英文关键词各3~8个。
- 2.6 缩略语、简称、代号除了相邻专业的读者清楚的以外,在首次出现时必须写出全称并注明以下所用的简称。如新术语尚无合适的中文术语译名可使用原文或译名后加括号注明原文。
- 2.7 用于表示科学计量和具有统计意义的数字要使用阿拉伯数字。
- 2.8 研究对象为人时,须注明试验组、对照组受试者的来源、选择标准及一般情况等。研究对象为试验动物时需注明动物的名称、种系、等级、数量、来源、性别、年龄、体重、饲养条件和健康状况等。动物试验和人体试验均需伦理审查文件。
- 2.9 药品、试剂使用化学名,并注明主要试剂的剂量、单位、纯度、批号、生产单位和日期。
- 2.10 主要仪器、设备应注明名称、型号、生产单位、精密度或误差范围。
- 2.11 图、文字和表格的内容不要重复,图、表应有自明性,即不看正文就能理解图意、表意。
- 2.12 所引的参考文献仅限于作者亲自阅读过的。未公开发表或在非正式出版物上发表的著作如确有必要引用,可用圆括号插入正文或在当页地脚加注释说明。原文作者若不超过3人应将作者姓名依次列出,中间用“,”隔开,3位以上作者则列出前3位,逗号后加“等”。参考文献格式如下:

期刊文章:[序号] 主要责任者(外文人名首字母缩写,缩写名后不加缩写点). 文献题名[文献类型标志]. 刊名, 年,卷(期): 起页-止页.

举例 [1] 汪国华,马进,季适东,等. 急性出血坏死性胰腺炎的手术治疗[J]. 中级医刊,1995,30(8):22-25.

[2] BERRY R J, LI Z, ERICKSON J D, et al. Preventing neural tube defects with folic acid in China[J]. N Engl J Med, 1999, 314: 1485-1490.